

FIG. 1A

SEQ ID NO:02	TRQSP----	RLPFTSPSL	--SLCLSSRN	RVLAAAS	KRDQMA	PLGDG	-GAAAAASN	*
SEQ ID NO:06		-ARASPPH	PKK--FPT	PSLSN	DLSSL	PLVFAR	SR-----	VVVVGGGAMAGRS
SEQ ID NO:08		HERTSLS	CRSKTV	FQNPNT	LSLP--	-----	-----	MALNNGVPATGT
SEQ ID NO:12		-----	-----	-----	-----	-----	-----	MAPLGDAVAPAAAAAP
SEQ ID NO:13		-----	-----	-----	-----	-----	-----	MAVNG---ASSS
								60

SEQ ID NO:02	NLVVSF	GEMLI	DFVPD	VAGLS	LAESG	GVKAP	GGAPAN	VACAI	AKLGG	SSAFV	GKFGD	DE
SEQ ID NO:06	ELVVSF	GEMLI	DFVPT	VAGVS	LAEP	AFVKAP	GGAPAN	VAIAV	ARLGG	GAFFV	GKLGDD	DE
SEQ ID NO:08	GLVVSF	GEMLI	DFVPT	VSGVS	LAEP	GFVKAP	GGAPAN	VAIAV	SRLGG	KAAFFV	GKLGDD	DE
SEQ ID NO:12	GLVVSF	GEMLI	DFVPD	VAGVS	LAESG	GVKAP	GGAPAN	VACAI	SKLGG	SSAFI	GKFGD	DE
SEQ ID NO:13	GLVVSF	GEMLI	DFVPT	VSGVS	LAEP	GFVKAP	GGAPAN	VAIAV	TRLGG	KSAFFV	GKLGDD	DE
												120

SEQ ID NO:02	FGHMLV	NI	LKQNN	VNSE	GCLF	DKHART	ALAFV	TLKHD	GEREF	MFYRN	PSAD	MLL	TEAELD
SEQ ID NO:06	FGRMLA	AIL	RDN	GVDD	GGV	FDAGART	ALAFV	TLRAD	GEREF	MFYRN	PSAD	MLL	THAELN
SEQ ID NO:08	FGHMLA	GIL	KENG	VRAD	GINF	DQGART	ALAFV	TLRAD	GEREF	MFYRN	PSAD	MLL	KPEELN
SEQ ID NO:12	FGHMLV	EIL	KQNV	NAEG	CLEF	DQHART	ALAFV	TLKSN	GEREF	MFYRN	PSAD	MLL	TEAELN
SEQ ID NO:13	FGHMLA	GIL	KTNG	VQAE	GINF	DKGART	ALAFV	TLRAD	GEREF	MFYRN	PSAD	MLL	TPAELN
													180

SEQ ID NO:02	LGLVRR	AKV	FHYG	SI	SLI	SEPC	SAHMA	AMRAA	KAAGV	LCSD	YDPN	VR	LP	WPSP	DAAREG
SEQ ID NO:06	VELIKR	AAV	FHYG	SI	SLI	AEPC	SAHL	RA	MEIA	KEAG	ALLS	YDPN	LR	REAL	WPSP
SEQ ID NO:08	LELIRSA	KV	FHYG	SI	SLI	VEPC	SAHL	KAME	VAKES	GCLLS	YDPN	LR	LP	WPSP	AEARKQ
SEQ ID NO:12	LDLIRRA	RI	FHYG	SI	SLI	TEPC	SAHVA	ATRAA	KSAGI	LCSD	YDPN	VR	LP	WPSP	AQAARDG
SEQ ID NO:13	LDLIRSA	KV	FHYG	SI	SLI	VEPC	RAAH	KAME	VAKE	AGALLS	YDPN	LR	LP	WPSP	AEARKQ
															240

FIG. 1A

SEQ ID NO:02
SEQ ID NO:06
SEQ ID NO:08
SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:13

* * * * *
ILSIWKEADFIKVSDDVAFLTRGDANDEKNVLSLWFDGLKLLVVTGDKGCRYFTKDFK
ILSIWDQADIVKVSEVELEFLTIGIDSVEDDVVMKLRPTMKLLLVTLGDQCKYIYARDER
ILSIWEKADLIKVSDAELEFLTGSDDKIDDESALSLSLWHPNLKLLLVTLGEHGSRYITKSEK
IMSIWKEADFIKVSDEEVAFLTQGDATDEKNVLSLWFEGLKLLIVTDGEKGCERYFTKDFK
IKSIWDSADVIKVSDDVELEFLTGSNKKIDDESAMSLWHPNLKLLLVTLGEKGCNYITKKFH
300

SEQ ID NO:02
SEQ ID NO:06
SEQ ID NO:08
SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:13

* * * * *
GVPGEKVDVDTTGAGDAFVGSLLVNVAKDDSI FHNEEKLREALKFSNACGAICTTKKG
GAVPSYKVQVDTTGAGDAFVGALLRRI VQDPSSLQDQKKLEEAIKFANACGAITATKKG
GSVD AFHVNVTDTTGAGDSFVGALLAKI VDDQSI LEDEPRRLREVLKFANACGAITTTQKG
GSPGYSVNTVDTTGAGDAFVGSLLVSVSKDDSI FYNEAKLREVLQFSNACGAICTTKKG
GTVGGFHVKTVDTTGAGDSFVGALLTKIVDDQT ILEDEARLKEVLRFSACGAI TTTTKKG
301

SEQ ID NO:02
SEQ ID NO:06
SEQ ID NO:08
SEQ ID NO:12
SEQ ID NO:13

* * * * *
AIPALPTVATAQDLIAKA-N
AIPSLPTEVEVLKLM-ES-A
AIPALPKEEAALKLI-KGGS
AIPALPTTATALELISKGSN
AIPALPTASEALTLL-KGGA
361

FIG. 1B